

DESCUBRIMIENTO MUNDIAL

Científicos secuencian el genoma del tomate

Un consorcio internacional, en el que participa el INTA y otras instituciones nacionales, logró identificar el código genético de este cultivo. El hallazgo permitirá implementar estrategias de mejoramiento para optimizar su sabor, nutrición y calidad.

Fernando Carrari – fcarrari@cni.inta.gov.ar

Investigadores de diversos países lograron secuenciar el **genoma del tomate**, uno de los cultivos más importantes del mundo y cuya producción nacional supera el millón de toneladas. “Si bien se encuentra disponible públicamente (en solgenomics.net), todavía **se trabaja para liberar una versión curada** que se seguirá estudiando para mejorar su precisión”, adelanta el jefe del grupo de genómica estructural y funcional de especies de Solanáceas del Instituto de Biotecnología del INTA Castelar, **Fernando Carrari**.

A partir del desciframiento del genoma de la especie domesticada *Solanum lycopersicum*, se podrán abrir innumerables oportunidades para el **estudio de mecanismos genéticos y moleculares** que determinan la nutrición, el sabor y la calidad de los frutos de este cultivo mediante estrategias de mejoramiento genético.

En la Argentina, las investigaciones se focalizan en “**rutas metabólicas** particulares del fruto y de otros órganos de la planta y en la **identificación de secuencias** asociadas al contenido vitamínico y de sólidos solubles”, indica Carrari.



El profesional lidera el grupo que representa a la Argentina en el Consorcio Internacional del Genoma del Tomate, que en su primera etapa estuvo encargado de dilucidar el de la **mitocondria**, una molécula subgenómica que representa aproximadamente el 0,05 por ciento del total de la especie (ver recuadro “El genoma”).

Según el investigador, el genoma está “completamente secuenciado”, aunque advirtió que “eso no quiere decir que esté ordenado”. Esto se encuentra relacionado con el porcentaje del genoma que en un principio se pensó secuenciar y el que efectivamente se secuenció. “Se obtuvo mucho **más información de la que originalmente se planificó**, por lo que probablemente lleve más tiempo ordenarla”, considera Carrari, quien a su vez destaca que el proyecto del “genoma humano comenzó en la década del 90 y aún hoy siguen liberándose versiones corregidas”.

“CONOCER LA ESTRUCTURA GENÓMICA DE LOS PROPIOS RECURSOS NATURALES ES LA INFORMACIÓN MÁS VALIOSA QUE PODAMOS TENER. ES NECESARIO CONSERVAR LA VARIABILIDAD Y UTILIZARLA EN BENEFICIO DE LA PRODUCCIÓN LOCAL” (FERNANDO CARRARI).

ESTUDIOS METABÓLICOS

Si bien el número de genes del tomate aún no está claro, algunos estudios indican que podrían ser unos **45 mil**. El grupo argentino estu-

A PARTIR DEL DESCIFRAMIENTO DEL GENOMA SE PODRÁN ABRIR NUMEROSAS OPORTUNIDADES PARA EL ESTUDIO DE MECANISMOS GENÉTICOS Y MOLECULARES QUE DETERMINEN LA NUTRICIÓN, EL SABOR Y LA CALIDAD DE LOS FRUTOS.



dió algunos cientos de ellos relacionados con el metabolismo de la planta en general y del fruto en particular.

“Nuestra intención es estudiar aquellos genes que, por su función predicha, tienen relación con el **metabolismo del fruto** en términos de aplicar este conocimiento al mejoramiento de la calidad, relacionada al tiempo de vida en estantería de los frutos, al sabor y al aroma”, explica el jefe de genómica estructural.

En el corto plazo, una vez que el grupo conozca los genes que codifican enzimas relacionadas con los sólidos solubles y el contenido vitamínico en el fruto, se podrían llegar a **seleccionar materiales** que porten alelos asociados a una **mejora en la calidad**.

Actualmente, el grupo de Carrari estudia la función y el rol de los genes en la **regulación de las vías metabólicas de interés** mediante técnicas de manipulación en los cultivares de experimentación. Una vez resuelto, se podrán buscar **variantes alélicas** en los cultivares que se utilizan actualmente. “Conocer estas variantes le proveerá al mejorador de herramientas para identificar un cultivar que pueda cumplir con los requerimientos más altos de calidad”. En este sentido, los investigado-

EL GENOMA

Cada organismo está compuesto por un genoma; un “manual de instrucciones” químico que indica a través de los genes, qué proteínas se producen, cuándo y dónde (lo que determina cómo el tomate crece y se desarrolla). Si fuera un libro tendría millones de páginas y sólo contendría cuatro letras: A, C, G y T (Adenina, Citosina, Guanina y Timina son las bases nitrogenadas que componen el ADN). La combinación de estas letras conforma las instrucciones (o genes) que hacen que un organismo funcione de una determinada manera.

Secuenciar el genoma, entonces, es descubrir la secuencia exacta en la que están ordenadas esas letras.

Previo al inicio de la secuenciación se realizó una proyección de la cantidad de genes que podría contener el genoma del tomate para programar cuánto tiempo demoraría y cuántos recursos se necesitarían. Entonces, se predijo que con averiguar un 60/70 por ciento se conseguiría lograr un panorama completo de lo que ocurría con este cultivo.

No obstante, a medida que surgieron nuevas tecnologías bioinformáticas, el Consorcio consideró mejor y más económico secuenciar todo.

res de Castelar trabajan en un proyecto conjunto con el INTA La Consulta, el Instituto de Biología Molecular de Rosario (perteneciente al CONICET) y la Universidad Nacional de Córdoba. En el Banco de Germoplasma ubicado en Mendoza, se buscan alelos que estén relacionados con esos aspectos.

EL CODIGO GENETICO

Un ser vivo está formado por billones de células.



Cada célula tiene la "formula completa" de cómo es cada organismo.

La información está guardada en "cápsulas": los cromosomas.

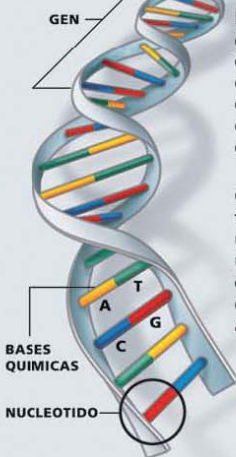
CROMOSOMA
Cada progenitor aporta la mitad de la información genética a su descendencia.

El código genético de cada individuo está "escrito" en la doble hélice del ADN (ácido desoxirribonucleico).

CADENA DE ADN
Si fuera posible estirar el ADN de una célula mediría unos 2 metros.

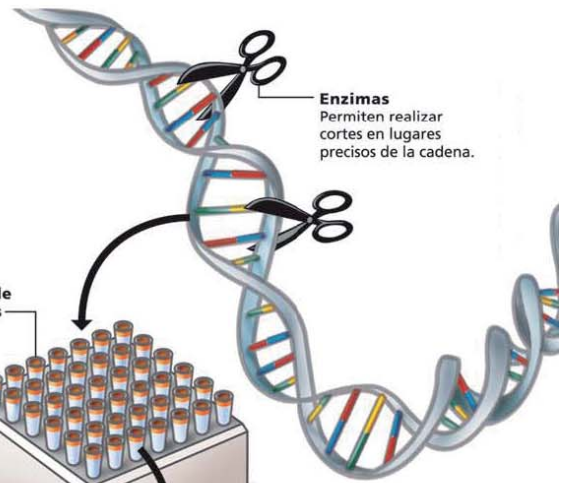
La matriz para que cada célula funcione de una manera determinada está "escrita" en los genes.

Cada gen está formado por una secuencia única de cuatro bases químicas: la adenina (A), la timina (T), la citosina (C) y la guanina (G).



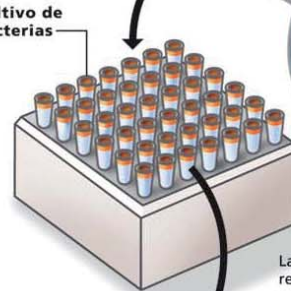
CÓMO SE DECODIFICA EL ADN

1 **FRACCIONAMIENTO**
Utilizando enzimas se realizan cortes químicos para obtener fragmentos cortos de ADN.



Enzimas
Permiten realizar cortes en lugares precisos de la cadena.

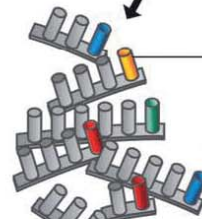
2 **AMPLIFICACION**
Los fragmentos de ADN se multiplican exponencialmente obteniéndose millones de copias.



Cultivo de bacterias

Las bacterias se reproducen rápidamente realizando copias del ADN que se les ha introducido.

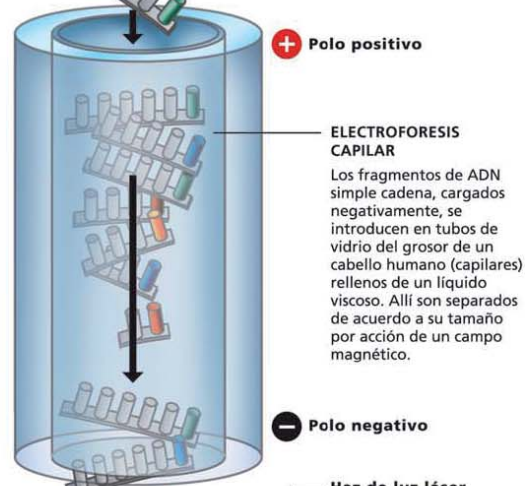
3 **ETIQUETADO**
Cada fragmento se amplifica por segunda vez agregando a la reacción una base química modificada que frena la extensión de la cadena.



Etiquetas fluorescentes
Permiten identificar en que letra química termina cada fragmento.

Copias parciales de los fragmentos marcadas en la última base

4 **CLASIFICACION**
Las copias marcadas en la última base se ordenan por tamaño mediante un proceso llamado electroforesis.



+ Polo positivo

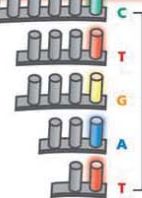
ELECTROFORESIS CAPILAR

Los fragmentos de ADN simple cadena, cargados negativamente, se introducen en tubos de vidrio del grosor de un cabello humano (capilares) rellenos de un líquido viscoso. Allí son separados de acuerdo a su tamaño por acción de un campo magnético.

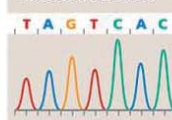
- Polo negativo

Haz de luz láser

5 **LECTURA**
La lectura de la secuencia se realiza iluminando el ADN a la salida del capilar con un láser que detecta la etiqueta fluorescente,



Gráfica de la secuencia de una sección de ADN



obteniendo así la secuencia de las bases químicas.

AL RESCATE DE VARIEDADES SILVESTRES

Si bien el **genoma que se secuenció** no pertenece a un cultivar que se utilice en la producción a campo, es considerado un **modelo de estudio**. En la década del 60 este cultivar fue ampliamente usado para la producción de híbridos comerciales pero, años más tarde, se desarrollaron otros con mejor *performance* agronómica y este cultivar se dejó de lado. No obstante, debido a la cantidad de información disponible, los miembros del consorcio decidieron utilizarlo como modelo.

En este sentido, existe la posibilidad de que se puedan rescatar cultivares utilizados actualmente en distintas regiones del país que se destacan por su sabor y contextura (uno de los casos más conocidos es el del tomate Platense). De esta forma, el INTA comenzó a **rescatar cultivares locales para poder catalogarlos** en colaboración con la Facultad de Ciencias Agrarias de la Universidad Nacional de Cuyo.

Esto podría ocasionar un gran impacto tanto en términos de **costos de producción** (por ejemplo en el

SI BIEN EL NÚMERO DE GENES DEL TOMATE AÚN NO ESTÁ CLARO, ALGUNOS ESTUDIOS INDICAN QUE PODRÍA CONTAR CON UNOS 45 MIL. EL GRUPO ARGENTINO ESTUDIÓ CIENTOS DE ELLOS AL SECUENCIAR LA MITOCONDRIA.

costo de la semilla que actualmente se importa en su mayoría) como en la **calidad del producto**.

“Nos dimos cuenta que toda esta información suministrada a partir del consorcio del genoma nos podía servir para ir a buscar en esos cultivares toda la variabilidad que existe en ellos y que permitiera explicar su alta calidad o la razón por la cual los productores locales los siguen prefiriendo”, sostiene Carrari.

GENOMAS POR VENIR

Además, el grupo lidera un proyecto de **secuenciación del genoma de una especie de tomate silvestre** (*Solanum pennellii*) que no es comestible ni utilizado para la producción convencional, pero su desciframiento permitiría contar con un importante **reservorio de alelos exóticos**.

América del Sur posee la mayor diversidad de especies de tomate ya que este cultivo es originario de las tierras altas de las costas occidentales y fue cultivado de manera continua por las diversas culturas andinas¹ (ver recuadro “Un cultivo con historia”).

De hecho, en la actualidad **existen más de 2.300 especies diferentes de tomate en la región** y sólo dos laboratorios latinoamericanos participan de este consorcio: uno de la Universidad de Sao Pablo, Brasil, y el otro pertenece al INTA.

Son muy pocos los cultivares comerciales que portan alelos silvestres, pero si se logran conocer éstos a nivel genómico, entonces se podrían seleccionar aquellos que aporten características benéficas y utilizarlos como **fuentes de diversi-**

EL CONSORCIO

El Consorcio Internacional de Secuenciación del Tomate (SOL) está conformado por 13 países cuyos centros se encargan de secuenciar un porcentaje del genoma total de ese cultivo. El Instituto de Biotecnología del INTA Castelar fue quien secuenció el genoma de la mitocondria, debido a los potenciales usos que ese grupo le pueda dar al aplicar esos conocimientos a las especies nativas de este país.

El Consorcio se conformó en 2002 para aunar recursos humanos y materiales en el estudio de esta y otras especies Solanáceas (entre las que se incluye la papa, el pimiento y el tabaco).

A su vez, ese Instituto conforma un consorcio regional llamado LATSOL (cni.inta.gov.ar/lat-SOL) del que participan laboratorios latinoamericanos que trabajan en investigación con especies de Solanáceas que, a su vez, tiene un homólogo europeo llamado EU-SOL (www.eusol.net).

Si bien trabajan en una plataforma común, “cada consorcio tiene objetivos específicos que responden a intereses estratégicos regionales”, afirma el jefe del grupo de genómica estructural y funcional de especies de Solanáceas del INTA Castelar, Fernando Carrari.

“El armado de un consorcio como este lleva mucho tiempo y requiere una gran cantidad de gente, esfuerzo y coordinación”, concluye el investigador.



EN LA ACTUALIDAD EXISTEN MÁS DE 2.300 ESPECIES DIFERENTES DE TOMATE Y SÓLO DOS LABORATORIOS LATINOAMERICANOS PARTICIPAN DEL CONSORCIO: UNO EN BRASIL Y OTRO EN LA ARGENTINA.

UN CULTIVO CON HISTORIA

Numerosas versiones indican que el tomate se cultivaba en América del Sur desde el Siglo VII a.C. La palabra "tomate" proviene de la lengua azteca náhuatl, "tomatl".

Investigaciones indican que ésta y otras hortalizas fueron cultivadas desde hace más de 2.500 años por las culturas que vivieron próximas a la cordillera de Los Andes. De acuerdo a las creencias de algunos de esos pueblos, quienes presenciaban la ingestión de semillas de tomate eran bendecidos con poderes adivinatorios.

El tomate grande y grueso, una mutación de una fruta más lisa y pequeña, se originó y distribuyó por América Central. Luego de la conquista española, el cultivo fue trasladado a Europa, donde fue adaptado a ciertas regiones de ese continente.

dad para ser aprovechada en el mejoramiento de esta especie a partir de, por ejemplo, cruzamientos con las especies cultivadas.

Para ello, una de las maneras utilizadas por los mejoradores es la **introgresión de genes** en las que paulatinamente se incorporan alelos de especies silvestres al acervo genético de las cultivadas.

"Conocer la estructura genómica de los propios recursos naturales es la información más valiosa que podemos tener. **No sólo es necesario conservar la variabilidad, sino también utilizarla en beneficio de la producción local**", finaliza Carrari. ●

¹ Smith, Andrew F. (1994), The tomato in America : early history, culture, and cookery. University of South Carolina Press, Columbia, S.C, USA.